

Titre du projet (*maximum 2 lignes*) :

Cartographie génétique de séquences exprimées chez la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*)

Résumé du projet

(contextes socio-économique et scientifique, objectifs, programme des travaux, organisation en tâches) :

L'aquaculture de la truite arc-en-ciel est un secteur d'activité important en Europe (250 000-300000 tonnes/an) et en France où elle arrive largement en première position par le tonnage (50000 tonnes). Pour maintenir la compétitivité des élevages, les producteurs ont recours à la mise en place de schémas d'amélioration génétique. A coté des méthodes classiques de génétique quantitative, la sélection assistée par marqueurs (SAM) offre une alternative avantageuse, voire incontournable, pour certains critères. L'efficacité de la SAM repose sur l'existence de cartes génétiques complètes et suffisamment denses. Les cartes génétiques actuellement disponibles chez la truite arc-en-ciel sont très incomplètes et très difficiles d'utilisation.

Le présent projet prévoit la construction d'une carte génétique de 1000 marqueurs par ajout de 700 nouveaux marqueurs à une carte produite au laboratoire. Les marqueurs localisés seront des microsatellites associés à des séquences exprimées, la cartographie de marqueurs de type I devant à terme faciliter la cartographie comparée avec une espèce modèle comme la poisson zèbre et bénéficier des en retour des informations accumulées sur le génome de cette espèce.

Le programme des travaux prévoit :

- 1) -la recherche de séquences microsatellites associés à des EST dans les banques AGENAE et USDA de truite arc-en-ciel (sélection des séquences sur la base d'informations sur la fonction de l'EST et de la qualité de séquences).
- 2) -la mise au point de conditions de PCR . Une étude de faisabilité a montré que sur 40 microsatellites choisis au hasard dans la banque EST AGENAE, le taux d'amplification était de 75% et le nombre de locus polymorphes de 66% (estimation basée sur deux individus). Pour 700 microsatellites cartographiés, il faut tester environ 1000 microsatellites.
- 3) -le génotypage des lignées ségréantes endomitotiques. Ces lignées sont constituées d'individus diploïdes issus du développement d'ovules d'une femelle sans apport de matériel génétique mâle..
- 4) génotypage des lignées gynogénétiques méiotiques. Ces lignées, produites sans apport de matériel génétique mâle et diploïdisées par rétention du deuxième globule polaire, permettent de cartographier le centromère sur les groupes de liaison obtenus en 3. Ces lignées sont disponibles ainsi que les lignées endomitotiques.
- 5) traitement des données à l'aide du logiciel *CARTHAGÈNE*

Champ thématique (*selon la classification de l'Appel à Projets*) :

Projet : générique

Responsable scientifique (*nom prénom*)

Guyomard René

Fonction et organisme (*intitulé, sigle, Adresse*)

Directeur de Recherche, INRA, CRJ Jouy-en-Josas, 78352 cedex

Tél. : 33 (0)1 34 65 27 91

Fax : 33 (0)1 34 65 23 90

Mel: guyomard@jouy.inra.fr